

Figure 2

g1244708	1	-----MKSFCDNDNNHSTNTT	40
GmANT1	1	-----MKRINESNTDIGNNNH	31
OsANT2	1	-----MASGNSSSSGSMAATAGG	48
GhANT1	1	-----MSNMGFSUTP-----	28
GmANT2	1	-----MKSMENDDNADLNQNN	63
OsANT1	1	-----MASGGSSNMGFSUTP	45
g1244708	41	-----SSSTSSAATSSSVPPQ	85
GmANT1	32	-----TSAATVPTTFYMSPSQ	71
OsANT2	49	-----HHVHQHQHQHGGGLFN	99
GhANT1	29	-----GLEAENVGLYSALP-----	30
GmANT2	64	-----AAAAAGAMSSPP-----	78
OsANT1	46	-----DSATTNCFLESPPAQ	103
g1244708	86	-----MPURSDGSLCIMEALNRS	125
GmANT1	72	-----MPUKSDGSLCILEALKRS	113
OsANT2	100	-----MPUKSDGSLCIMEALRGG	137
GhANT1	31	-----MPURSDGSLCVCWDPFR	98
GmANT2	79	-----MPUKSDGSLYLETLRS	133
OsANT1	104	-----MPUKSDGSLCIMEGMPG	131
g1244708	126	-----NTSHKEAMDLSLDFYN	159
GmANT1	114	-----HEYGSHERGSLDSIYYNS	158
OsANT2	138	-----AGPAMALSDNSAEYYG	177
GhANT1	99	-----QNTVPSPTIRINNVAPNY	152
GmANT2	134	-----LSLDSVFYTIQPSRRDPNN	188
OsANT1	132	-----CGNGSGHDPATYISQGE	165
g1244708	160	-----FPQTRNHEEETRN-YGN	205
GmANT1	159	-----HPYYSGLACHGLYQAPLE	226
OsANT2	178	-----GGFLQCAVTPGAGAG-----	228
GhANT1	153	-----HSLQQCDPNPNHNQR-----	201
GmANT2	189	-----GSKQSQTSDDNNLHVQNM	245
OsANT1	166	-----YNYQPLTEAEMLQEARA	219
g1244708	206	-----QSSCITGSHHHQQNQNH	272
GmANT1	227	-----ERNVSLGSGVCGELQSL	287
OsANT2	229	-----CAAGPIIPTGGHLHPLTSM	294
GhANT1	202	-----ETNNNFNGLSLTMS-----	252
GmANT2	246	-----ESGSGMAYGDLQSLSLM	309
OsANT1	220	-----GSQSSSCVSAAPQQHQ	280



Figure 2 continued

g1244708	273	SUOTFGQRTSQYRGWTRHRWTRGRIEHLWJNSFKKGGHRRKGRQWYGGYDMEKKAARAYDLAAL KYW	340
GmANT1	288	SUOTFGQRTSQYRGWTRHRWTRGRIEHLWJNSFKKGGHRRKGRQWYGGYDMEKKAARAYDLAAL KYW	355
OsANT2	295	SUOTFGQRTSQYRGWTRHRWTRGRIEHLWJNSFKKGGHRRKGRQWYGGYDMEKKAARAYDLAAL KYW	362
GhANT1	253	SUOTFGQRTSQYRGWTRHRWTRGRIEHLWJNSFKKGGHRRKGRQWYGGYDMEKKAARAYDLAAL KYW	320
GmANT2	310	SUOTFGQRTSQYRGWTRHRWTRGRIEHLWJNSFKKGGHRRKGRQWYGGYDMEKKAARAYDLAAL KYW	377
OsANT1	281	SUOTFGQRTSQYRGWTRHRWTRGRIEHLWJNSFKKGGHRRKGRQWYGGYDMEKKAARAYDLAAL KYW	348
g1244708	341	GPSTHTNFSAENYQKEDMKNMTRQEYVAHLRRKSSGF SRGASVYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGN	408
GmANT1	356	GPSTHTNFSAENYQKEDMKNMTRQEYVAHLRRKSSGF SRGASVYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGN	423
OsANT2	363	GPSTHTNFSAENYQKEDMKNMTRQEYVAHLRRKSSGF SRGASVYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGN	430
ZmANT1	1	-----LRRKSSGF SRGASVYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGN	37
GhANT1	321	GPSTHTNFSAENYQKEDMKNMTRQEYVAHLRRKSSGF SRGASVYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGN	388
GmANT2	378	GPSTHTNFSAENYQKEDMKNMTRQEYVAHLRRKSSGF SRGASVYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGN	445
OsANT1	349	GLSTHTNFSAENYQKEDMKNMTRQEYVAHLRRKSSGF SRGASVYRGVTRHHQHGRWQARIGRVAGN	416
g1244708	409	KDLYLGTFG-----TQEEAAEAYDVAAIKFRGLNAVTFNFDIYRYDVDRINSSNLLSGE	462
GmANT1	424	KDLYLGTFS-----TQEEAAEAYDVAAIKFRGANAVTFNFDIYRYDVDRINSSNLLSGE	477
OsANT2	431	KDLYLGTFLASAFARRRRARHAGTQEEAAEAYDVAAIKFRGLNAVTFNFDIYRYDVDRINSSNLLSGE	498
ZmANT1	38	-----TQEEAAEAYDVAAIKFRGLNAVTFNFDIYRYDVDRINSSNLLSGE	91
GhANT1	389	KDLYLGTFS-----TQEEAAEAYDVAAIKFRGLNAVTFNFDIYRYDVDRINSSNLLSGE	442
GmANT2	446	KDLYLGTFS-----TQEEAAEAYDVAAIKFRGANAVTFNFDIYRYDVDRINSSNLLSGE	499
OsANT1	417	KDLYLGTFS-----TQEEAAEAYDVAAIKFRGLNAVTFNFDIYRYDVDRINSSNLLSGE	470
g1244708	463	LARR-----NNNS-----NNNS-----	475
GmANT1	478	LARRKNDPRNKDIDYKNSVVTGVNNEETVQVQAGNNNNENDSEUJWVLFNHPSSQQQANGNGSDQK	545
OsANT2	499	LARRKGVG-----DGGGAAYVADAALVQAGNV-----AEUKKATAALPAARTEQQQHHG	553
ZmANT1	92	QVRRR-----KEGADARVSEARALVQAGNC-----MTDTWKKQAALPAARADER-----GAGQ	141
GhANT1	443	LAKRSP-----KDTASIAPEEDYNSCASSASQPLLATPSGASDELADWVTAN-----SDEQ	495
GmANT2	500	LARRNRETDNETQCIDQNHKPSAYEDTQEAILMHQKSCSENDQWKKVLYQSSQQLQNPPTIESDR	567
OsANT1	471	ARKVKKATEAAPDHVPGR-ELGATEEASATVT-----GTD-WRMVHLGSSQQQAACTEATADL	529
g1244708	476	-----TEDQTLNAVVEG-----GSKKEVSUPE-R-----	499
GmANT1	546	IMNCGNYRNSAFSMALQDLTGIDSVGSGQHNMLEDSSKI-GTHFSNTSS-VTSLSSGRASPEKRG	611
OsANT2	554	GGHQHDLILPSDAFSLQDITVSTVDAAGAPPRAPHMMAAT-----SLG-----NSRQSPD-RGV	608
ZmANT1	142	QQRQD--LLSSSEAFSLHDIIVS-VDAAGTGTGTGGM-----SNASSSLAPSVNSRQSPD-R--	196
GhANT1	496	QQHQS--TNTNDA-----SLAN-----SSSRNSNPQSPK	524
GmANT2	568	TN-----QSFVALDNNMFHQEVEESSKARTHV-----SNPSS-LATSLSSGRQSPD-RTS	616
OsANT1	530	QKG-----FMGDAHSAHGIWGFVDVESAAADEIDVPGGKISGINFSNSSS-VTSLSSNRGCSPE-RLG	591
g1244708	500	-LLSFAIPALPQVNQKMFSGN-----MGGNMSBWTSPNAELK-TVALTLPQMPVFAA	551
GmANT1	612	SLL-FMPPMETKIVN-----IGTSVTSWLPSPBTVQMRPSPALISLWLPVFAA	659
OsANT2	609	GGGGGGVLLATLFAKPAASAKLYSPVP-----LNTWASRSPAVSSVPAR--AGVSIAPVFAA	665
ZmANT1	197	GGASLMLF-----AKPVAAPKLACPLP-----LGSWVSS-AVSARPP-----GVSIAPVFAA	246
GhANT1	525	GSIGLASDKFGIGGDYSHGYFSLKGSKYEDGNSETDNSNENRNLGLVHK-----TPMFAA	582
GmANT2	617	LPMLSGMPSTASKLL-----ATPNPNVNSWDRSPH--LRPALITLPQMPVFAA	661
OsANT1	592	LAML-----YAKHHPTAVSLA-----AMNPUMMPAPAAAHV-MRPPSAIAHLPVFAA	638

